

METHOD FOR SUPPRESSING DENATURATION OF PROTEIN

Publication number: JP2002171984

Publication date: 2002-06-18

Inventor: IDENO AKIRA; MARUYAMA TADASHI

Applicant: MARINE BIOTECH INST CO LTD

Classification:

- international: C12N15/09; C12N9/90; C12N15/09; C12N9/90; (IPC1-7): C12N15/09; C12N9/90

- European:

Application number: JP20000371202 20001206

Priority number(s): JP20000371202 20001206

[Report a data error here](#)

Abstract of JP2002171984

PROBLEM TO BE SOLVED: To provide a method for suppressing the denaturation of a protein by heat or an organic solvent to prevent the irreversible formation of aggregates. **SOLUTION:** This method for suppressing the denaturation of a protein comprises making FKBP type PPIase that is derived from a thermophilic or hyperthermophilic archaea and has a molecular weight from 26 to 33 kDa coexist with the protein.

~~~~~  
Data supplied from the **esp@cenet** database - Worldwide

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号  
特開2002-171984  
(P2002-171984A)

(43) 公開日 平成14年6月18日 (2002.6.18)

|                           |       |                       |                                |
|---------------------------|-------|-----------------------|--------------------------------|
| (51) Int.Cl. <sup>7</sup> | 識別記号  | F I                   | テーマコード(参考)                     |
| C 1 2 N 15/09<br>9/90     | Z N A | C 1 2 N 9/90<br>15/00 | 4 B 0 2 4<br>Z N A A 4 B 0 5 0 |

審査請求 未請求 請求項の数 2 O L (全 15 頁)

(21) 出願番号 特願2000-371202(P2000-371202)

(22) 出願日 平成12年12月6日 (2000.12.6)

(71) 出願人 591001949

株式会社海洋バイオテクノロジー研究所  
東京都文京区本郷1丁目28番10号

(72) 発明者 井手野 晃

岩手県釜石市平田第3地割75番1 株式会  
社海洋バイオテクノロジー研究所釜石研究  
所内

(72) 発明者 丸山 正

岩手県釜石市平田第3地割75番1 株式会  
社海洋バイオテクノロジー研究所釜石研究  
所内

(74) 代理人 100091096

弁理士 平木 祐輔 (外2名)

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 タンパク質の変性抑制法

(57) 【要約】

【課題】 熱や有機溶剤などによるタンパク質の変性を抑制し、不可逆的な凝集形成を防ぐ手段を提供する。

【解決手段】 好熱性古細菌又は超好熱性古細菌に由来し、且つ、分子量が26-33 kDa であるFKBP タイプPPIaseをタンパク質と共存させることを特徴とするタンパク質の変性抑制法。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 以下の(a)～(c)に示すタンパク質

(a)配列番号2又は4記載のアミノ酸配列により表されるタンパク質

(b)配列番号2又は4記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列により表され、かつPPIase活性またはシャペロン様活性を有するタンパク質

(c)配列番号1又は3記載の塩基配列により表されるDNA又はそれと相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAがコードする超好熱性又は好熱性古細菌由来のタンパク質であって、PPIase活性またはシャペロン様活性を有するタンパク質

【請求項2】 請求項1記載のタンパク質を他のタンパク質と共存させ、当該他のタンパク質の変性を抑制することを特徴とするタンパク質の変性抑制法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】本発明は、熱などの環境ストレスによって生じるタンパク質の変性を抑制する方法に関する。

【0002】

【従来の技術】タンパク質は複数のアミノ酸がペプチド結合により連なったポリペプチドである。タンパク質がその特性を発現するためには分子内または分子間の相互作用により形成される特有の三次構造（立体構造）が重要である。一般にタンパク質は熱などの環境的ストレスを加えると、その立体構造が変化し、その特性が不可逆的に消失してしまう場合が多い。従って、このような環境変化に対し、タンパク質をいかに安定な状態に保つか、タンパク質を扱う上で常に課題として挙げられている。また、遺伝子組み換え技術による有用タンパク質生産において、大腸菌等の宿主菌内に過剰生産されたタンパク質が不活性な封入体として目的タンパク質が生産され、生産効率が低下するといった課題が挙げられている。

【0003】上記問題点の解決策としてこれまで精力的に研究がなされ、さまざまな改善案が提案されている。近年、タンパク質の立体構造形成及び構造変化に関与する因子として分子シャペロンに関心が高まっている。分子シャペロンは熱ショックタンパク質の一群であり、細胞が温度変化など様々な環境ストレスにさらされた際に生産される。これらは原核生物、真核生物を問わず広く存在しており、特に大腸菌から生産される分子シャペロンとしてGroEが良く知られている。このGroEはタンパク質の種類を選ばず、非特異的にタンパク質の立体構造形成に関与することが明らかにされている。例えば上記GroEの構成体であるGroELは7個のサブユニットが環状に連なったドーナツ型構造が2段に重なった、合計14サブユニットからなる特徴的な構造を有している。GroEL

は、ドーナツ構造の凹部に変性タンパク質を捕捉し、ATPなどのヌクレオチドの消費と、補助因子であるGroESの結合に伴って、効率的に正しい立体構造のタンパク質へと折り畳むことが知られている。このシャペロニンをタンパク質の安定化に応用する試みがいくつかなされている。例えば特開平7-67641号公報には「酵素含有溶液にシャペロニンタンパク質及びATPなどのヌクレオチドを含有せしめ、溶液中の酵素を安定化する方法」が提案されている。また特開平7-48398号公報には、「化学的に変性された不活性タンパク質、遺伝子操作等で使用された形質転換体の中に蓄積された不活性なタンパク質などを活性タンパク質に再生させることを目的として、サーマス・サーモフィラス (*Thermus thermophilus*) より精製したシャペロニンをを用いる方法」が提案されている。

【0004】これらはいずれもシャペロニンが有するタンパク質の立体構造形成作用を利用したものであり、熱や変性剤によって立体構造が変形した際、タンパク質のポリペプチド鎖を本来の立体構造に巻き戻す（折り畳む）作用により、目的を達成するものである。

【0005】しかしながら、シャペロニンは一般的にATP、CTP、UDPといった高エネルギー物質を共存させる必要がある。また、シャペロニンは目的タンパク質と1:1のモル比率で作用するため、分子量が100kDaに近い高分子量のシャペロニンでは、非常に高濃度のシャペロニンをを用いる必要があり経済性に欠ける。

【0006】一方、PPIase (Protein phosphatase) は、免疫抑制剤として知られるサイクロスポリン及びFK506のターゲット分子であり、それぞれの免疫抑制剤に対する感受性からシクロフィリンタイプ及びFKBP (FK506 binding protein) タイプに大別される。また、両者の免疫抑制剤に非感受性でアミノ酸配列のホモロジーも異なるパーブリン (Parvulin) タイプが近年見つかってきている。PPIaseはポリペプチド鎖中プロリン残基のN末端側ペプチド結合のシストランス異性化反応を触媒することにより、タンパク質高次構造の再生速度を促進させる機能 (PPIase活性) を有することから、上記シャペロニンと同様にタンパク質の安定化や不活性タンパク質の再生に利用できるものとして期待されていた。発明者らは、これまで古細菌由来のFKBPタイプPPIaseに着目し、研究を行ってきた。その結果、興味深いことに、それら由来のFKBPタイプPPIaseには、上記PPIase活性だけでなく、本来シャペロニンの機能とされていた、タンパク質巻き戻りの収量そのものを増大させる活性やタンパク質の不可逆的凝集を抑制する活性（シャペロン様活性）を有することを明らかにしてきた (Maruyama et al., 2000, FrontBiosci. 2000 Sep 1, 5, D821-836)。PPIaseは上記シャペロンとは異なり、ATPなどといった高エネルギー物質が不要であるといった利点がある。

【0007】さらに、これまで市販されているPPIase

は、例えばシグマ社からシクロフィリンタイプ及びFKBPタイプのものがそれぞれ2種類、1種類ずつ上市されているが、いずれも動物由来のものであり、その安定性は低く、4℃または-20℃という低温で保存する必要があった。このように動物由来のPPIaseは熱に非常に弱い。一方、古細菌由来のPPIaseは熱に強く、高温条件下に長時間放置されても活性を失わない。このため、古細菌由来のPPIaseは、新たなPPIase試薬としてその利用が期待されている。

【0008】

【発明が解決しようとする課題】古細菌由来のPPIaseの大部分はFKBPタイプである。また、FKBPタイプのPPIaseは、分子量が17-18 kDa程度の短いタイプのものと分子量が26-33 kDa程度の長いタイプのものとに分類される

(Maruyama, T and Furutani, M Front Biosci. 2000 Sep 1, 5, D821-836; Iida et al., 2000, Gene 256, 319-326)。古細菌由来の26-33 kDaからなるFKBPタイプPPIaseは、その約17-18 kDaからなるN末端ドメイン部分にPPIase活性を担う領域があり、残りのC末端ドメイン部分はタンパク質の凝集を抑制する機能を有する、2機能性のPPIaseである。26-33 kDaタイプのPPIaseのN末端ドメインは短いタイプのものと相溶性の高い領域であるが、17-18kDaタイプのものに比べPPIase活性が弱く、例えば、好熱性古細菌であるメタノコッカス・サーモオートロフィカム(Methanococcus thermoautotrophicum)由来のPPIaseは、16kDaタイプのPPIaseの1/1000以下程度の活性しか示さない(Ideno et al., 2000, Eur. J. Biochem 267, 3139-3148)。25-35 kDaタイプのPPIaseにおいても、高機能を示すものが見出されれば、その利用価値は非常に高い。本発明は、このような技術的背景の下になされたものであり、25-35 kDaタイプの高機能PPIaseを提供することを目的とする。

【0009】

【課題を解決するための手段】本発明者は、上記課題を解決するため鋭意検討を重ねた結果、パイロコッカス・ホリコシ(Pyrococcus horikoshii)及びメタノコッカス・ヤナシイ(Methanococcus jannaschii)由来のPPIaseが、26-33 kDaタイプに属するものであるにもかかわらず、非常に強いシャペロン様活性を持つことを見出し、本発明を完成した。

【0010】即ち、本発明は、以下の(a)~(c)に示すタンパク質である。

(a)配列番号2又は4記載のアミノ酸配列により表されるタンパク質

(b)配列番号2又は4記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列により表され、かつPPIase活性またはシャペロン様活性を有するタンパク質

(c)配列番号1又は3記載の塩基配列により表されるDNA又はそれと相補的なDNAとストリンジェントな条件下で

ハイブリダイズするDNAがコードする超好熱性又は好熱性古細菌由来のタンパク質であって、PPIase活性またはシャペロン様活性を有するタンパク質

また、本発明は、上記のタンパク質を他のタンパク質と共存させ、当該他のタンパク質の変性を抑制することを特徴とするタンパク質の変性抑制法である。

【0011】

【発明の実施の形態】以下、本発明を詳細に説明する。本発明のタンパク質は、以下の(a)~(c)に示すタンパク質を含む。

(a)配列番号2又は4記載のアミノ酸配列により表されるタンパク質

(b)配列番号2又は4記載のアミノ酸配列において、1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列により表され、かつPPIase活性またはシャペロン様活性を有するタンパク質

(c)配列番号1又は3記載の塩基配列により表されるDNA又はそれと相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするDNAがコードする超好熱性又は好熱性古細菌由来のタンパク質であって、PPIase活性またはシャペロン様活性を有するタンパク質

(a)~(c)のタンパク質は、いずれも26-33kDaのFKBPタイプのPPIaseである。(a)のタンパク質は、パイロコッカス・ホリコシ又はメタノコッカス・ヤナシイ由来のPPIaseである。

【0012】(b)のタンパク質は、(a)のタンパク質に、PPIase活性またはシャペロン様活性を失わせない程度の変異が導入されたタンパク質である。このような変異は、自然界において生じる変異のほかに、人為的な変異をも含む。人為的な変異を生じさせる手段としては、部位特異的な変異誘発法(Nucleic Acids Res. 10, 6487-6500, 1982)などを挙げることができるが、これに限定されるわけではない。変異したアミノ酸の数は、PPIase活性またはシャペロン様活性を失わせない限り、その個数は制限されないが、通常は、30アミノ酸以内であり、好ましくは20アミノ酸以内であり、更に好ましくは10アミノ酸以内であり、最も好ましくは5アミノ酸以内である。

本発明というPPIase活性は、例えばフィッシャーらが提案したキモトリプシンカップルドアッセイで評価することができる(Fischer et al., 1984, Biomed. Biochim. Acta 43, 1101-1111)。一方、シャペロン様活性は、ロダネーゼやクエン酸合成酵素、リンゴ酸脱水素酵素、グルコース-6-リン酸脱水素酵素などをモデル酵素とし(河田 1998, バイオサイエンスとインダストリー 56, 593-598)、これらを6M塩酸グアニジン等のタンパク質変性剤で変性処理後、PPIaseやシャペロンを含む緩衝液で変性剤を希釈した際に開始する変性タンパク質の再生率や変性タンパク質の凝集の抑制率で評価することができる。変性タンパク質の再生率を評価する方法にはホロビッチらの方法(Horowitz, 1995, Methods Mol. Bi

ol.40,361-368)、変性タンパク質の凝集抑制を評価する方法としては田口らの方法(Taguchi et al. 1994, J.Biol.Chem.269, 8529-8534)などがそれぞれ挙げられる。

【0013】(c)のタンパク質は、DNA同士のハイブリダイゼーションを利用することにより得られる好熱性古細菌又は超好熱性古細菌由来のPPIaseである。(c)のタンパク質における「ストリンジェントな条件」とは、特異的なハイブリダイゼーションのみが起き、非特異的なハイブリダイゼーションが起きないような条件をいう。このような条件は、通常、「1×SSC、0.1%SDS、37℃」程度であり、好ましくは「0.5×SSC、0.1%SDS、42℃」程度であり、更に好ましくは「0.2×SSC、0.1%SDS、65℃」程度である。ハイブリダイゼーションにより得られるDNAは、配列番号1又は配列番号3記載の塩基配列により表されるDNAと通常高い相同性を有する。高い相同性とは、60%以上の相同性、好ましくは75%以上の相同性、更に好ましくは90%以上の相同性を指す。

【0014】本発明のタンパク質は、例えば、以下の方法により得られる。まず、好熱性古細菌または超好熱性古細菌を培養し、得られた菌体をSDSなどの菌可溶化剤を用いて溶菌後、フェノール抽出及びエタノール沈殿法などの手法により、ゲノムDNAを抽出する。本発明で用いられる超好熱性又は好熱性古細菌としては、アシディアヌス(Acidianus)属、メタロスファエラ(Metall osphaera)属、スティジオロバス(Stygiolobus)属、スルフォロバス(Sulfolobus)属、スルフロコッカス(Sulfurococcus)属及びスルフルスファエラ(Sulfurisphaera)属などのスルフォロバレス(Sulfolobales)目、アエロバイラム(Aeropyrum)属、デスルフロコッカス(Desulfurococcus)属、ステッテリア(Stetteria)属、スタフィロサーマス(Staphylothermus)属、サーモディスカス(Thermodiscus)属、イグネオコッカス(Igneococcus)属、サーモスファエラ(Thermosphaera)属及びスルフォフォコッカス(Sulfophobococcus)属、ハイパーサーマス(Hyperthermus)属、パイロディクティウム(Pyrodictium)属及びパイロロバス(Pyrolobus)属などのイグネオコッカレス(Igneococcales)目、パイロバキュラム(Pyrobaculum)属、サーモプロテウス(Thermoproteus)属、サーモフィラム(Thermofilum)属及びカルドコッカス(Caldococcus)属などのサーモプロテアレス(Thermoproteales)目、アーキオグロブス(Archaeoglobus)属及びフェログロブス(Ferr oglobus)属などのアーキオグロバレス(Archaeoglobales)目、メタノサーマス(Methanothermus)属、メタノバクテリウム(Methanobacterium)属、メタノサーモバクター(Methanothermobacter)属及びメタノスファエラ(Methan osphaera)属などのメタノバクテリアレス(Methanobacte riales)目、メタノコッカス(Methanococcus)属、メタノサーモコッカス(Methanothermococcus)属、メタノカルドコッカス(Methanocaldococcus)属及びメタノイグニス(Methanotignis)属などのメタノコッカレス(Methanococc

ales)目、メタノミクロバイアレス(Methanomicrobiales)目、メタノサルチナ(Methanosarcina)属などのメタノサルチナレス(Methanosarcinales)目、メタノバイラレス(Methanopyrales)目、パイロコッカス(Pyrococcus)属及びサーモコッカス(Thermococcus)属などのサーモコッカレス(Thermococcales)目、サーモプラズマ(Thermoplasma)属及びピクロフィラス(Picrophilus)属などのサーモプラズマレス(Thermoplasmales)目などの古細菌が挙げられる。これらの古細菌の中でも超好熱性古細菌由来のものを使用するのが好ましく、とりわけパイロコッカス属及びメタノコッカス属の古細菌を使用するのが好ましい。

【0015】このようにして得られたゲノムDNAを適当な制限酵素で切断後、適当なベクターに連結し、ゲノムDNAライブラリーを作製する。ベクターにはλファージ由来の各種ベクター例えばλgt10やλZAPなどのファージミドDNA、あるいはpUC18やpBR322等のプラスミドベクターを用いることができる。

【0016】一方、異なる生物種由来のFKBPタイプPPIase遺伝子間でホモロジーの高い領域のアミノ酸配列をもとに、それに相当するDNAを合成し、PCRに用いるプライマーとする。ホモロジーの高い領域の一例としては、例えば、図1のPPIase中の25〜32番目のアミノ酸配列、137〜144番目のアミノ酸配列などを挙げることができる。このようなプライマーを用いて上記ゲノムDNAを鋳型とするPCRを行えば、本発明のタンパク質をコードする遺伝子の部分断片を得ることができる。上記部分断片は[<sup>32</sup>P]などの放射性元素や、ジコキシゲニンなどの非放射性化合物で標識することにより、遺伝子スクリーニングのプローブとして用いることができる。

【0017】本発明のタンパク質をコードする遺伝子の全塩基配列を得るためには上記ゲノムDNAライブラリーを、大腸菌などの宿主に導入しておき、ラベル化した上記プローブと強く結合するクローンを選択すればよい。塩基配列の決定はサンガー法やマキシム・ギルバート法といった一般的な方法によって決定することができる。以上の手順により、翻訳開始コドンから終止コドンを含む本発明のタンパク質をコードする全DNA塩基配列を単離することができる。上記操作により、単離した本発明のタンパク質をコードするDNAは適宜pETシステムなどの発現ベクターに挿入し、微生物や培養細胞に導入して発現させることにより、本発明のタンパク質を大量調製することが可能である。

【0018】不安定なタンパク質の変性抑制のためには、目的のタンパク質を本発明のタンパク質と共存させればよい。本発明のタンパク質は、耐熱性に優れるだけでなく、優れた耐冷性、耐有機溶媒性なども示すため、タンパク質の様々な変性に対して抑制効果を発揮する。共存させる手段としては、例えば、目的のタンパク質に本発明のタンパク質を混合する手段、本発明のタンパク

質を目的のタンパク質をコードするDNAと共発現させる手段などを挙げることができる。目的のタンパク質と混合する場合、その比率はモル比で、目的タンパク質1に対して、0.1-500の比率が好適である。また、共発現は、本発明のタンパク質をコードする遺伝子を、例えばpACYC系プラスミドの発現プロモータの下流部に挿入しておけばよい。例えば、目的タンパク質がpETなどのcoIE1系のDNA複製開始領域を持つ発現ベクターに挿入されている場合、pACYCベクターはそれらと宿主菌内で共存可能であるため、それぞれのプラスミドを別の薬剤耐性マーカーを所有させておけば、両者の遺伝子は宿主内で共存する。両者の遺伝子はそれぞれのプロモーター制御下で発現が可能となる。逆に目的タンパク質をpACYC系に、PPIase遺伝子をcoIE1系に組み込んでおいても差し支えない。この共発現系を利用すれば、例えば目的タンパク質を大腸菌などで発現する場合、封入体などの変性体として発現されるタンパク質を、可溶性画分に生産させることが可能となる。本発明のタンパク質を共発現させれば、目的タンパク質の変性が抑制されると共に、PPIase活性及びシャペロン様活性などの効果により封入体形成が妨げられ、可溶性画分として生産される。本発明のタンパク質は耐熱性に優れ、運搬、保存などの際有利である。

【0019】

【実施例】以下、実施例により、本発明を説明するが、本発明の範囲はこれに限定されるものではない。

【実施例1】 超好熱性古細菌のゲノムDNAの調製

PPIase遺伝子は、バイロコッカス・ホリコシ及びメタノ\*

PHFK 遺伝子及び MJFKL 遺伝子の増幅に用いたプライマー

| 名称       | 配列                                    | 制限酵素サイト  |
|----------|---------------------------------------|----------|
| PHFK-F1  | 5'-CCCATATGAAGGTGGAGAGGGGAGATGTT-3'   | Nde I    |
| PHFK-R1  | 5'-GGAAAGCTTTTAAAGAGGATTGCGCCTCTTC-3' | Hind III |
| MJFKL-F1 | 5'-CCATATGGTGAAGGCTAAATGGTA-3'        | Nde I    |
| MJFKL-R1 | 5'-GGGGATCCTTATTTGTTCTCTTCTTAGT-3'    | Bam HI   |

アンダーライン：各制限酵素サイト

【0023】

【表2】

PCR の反応組成

|                                 |              |
|---------------------------------|--------------|
| Reaction buffer(x10)            | 10 $\mu$ l   |
| dNTP                            | 8 $\mu$ l    |
| Ex Taq                          | 0.5 $\mu$ l  |
| ゲノム DNA(10ng/ $\mu$ l)          | 2 $\mu$ l    |
| Forward Primer(20pmol/ $\mu$ l) | 4 $\mu$ l    |
| Reverse Primer(20pmol/ $\mu$ l) | 4 $\mu$ l    |
| 滅菌水                             | 71.5 $\mu$ l |
| 合計                              | 100 $\mu$ l  |

【0024】

【表3】

\*コッカス・ヤナシイよりクローニングした。バイロコッカス・ホリコシ(MD151)は理化学研究所より入手し、メタノコッカス・ヤナシイは、DSMより入手した。

【0020】バイロコッカス・ホリコシ及びメタノコッカス・ヤナシイの菌懸濁液をそれぞれ約50  $\mu$ l採取し、15000 rpm×5分間遠心分離することにより、菌体を回収した。TE緩衝液500  $\mu$ lにて2回菌体を洗浄した後、0.1% SDSを含むTE緩衝液に懸濁し、95℃にて60分間溶菌処理を行った。等量のTE緩衝液飽和フェノール及びクロロホルムにて除タンパク処理を行った後、エタノールにてそれぞれのゲノムDNAを沈殿させた。

【0021】【実施例2】 PPIase遺伝子の増幅及びクローニング

図1及び図2に示したバイロコッカス・ホリコシ由来PPIaseの配列情報及びメタノコッカス・ヤナシイ由来PPIaseの配列情報をもとに、バイロコッカス・ホリコシ由来のPPIase（以下、「PHFK」と略記する）遺伝子及びメタノコッカス・ヤナシイ由来のPPIase（以下、「MJFKL」と略記する）遺伝子をPCR法によって増幅した。遺伝子増幅用のプライマーとしては、PHFKについてはPHFK-F1及びPHFK-R1を、MJFKLについてはMJFKL-F1及びMJFKL-R1をそれぞれ用いた（表1）。これらのプライマーには制限酵素サイトを設けた。また、PCRの反応組成及び反応サイクルは、それぞれ表2及び表3に示すとおりである。DNAポリメラーゼは、TaKaRa社Ex. Taqを使用した。

【0022】

【表1】

PCR の反応条件

|        |            |         |
|--------|------------|---------|
| プレヒート  | 95℃×5min   | 1cycle  |
| 変性     | 96℃×0.5min | 30cycle |
| アニーリング | 59℃×1min   |         |
| 増幅     | 72℃×1min   |         |

40

【0025】PCR法によって得られた各々の増幅産物を、2%アガロースゲル電気泳動により分離後、DNA断片を含むバンド部分を切り出し、フェノール・クロロホルム処理及びエタノール沈殿により目的DNAの抽出を行った。DNA断片を滅菌水に溶解し、各約10~100 ngに対して10倍量のpT7 blue Tプラスミドベクター（Novagen）を加え、さらに16℃にて1時間処理することによりDNA断片をライゲーションした。

50 【0026】上記ライゲーション液をそれぞれコンピテ

ントセル大腸菌 JM109 株に加えることによりトランスフォーメーションした。これら菌株の懸濁液を  $100 \mu\text{g ml}^{-1}$  アンピシリンナトリウム、 $100 \mu\text{M}$  IPTG 及び  $0.004\%$  X-Gal を含有する LB 寒天培地に接種し、一晚  $37^\circ\text{C}$  にて培養し、得られたホワイトコロニーについて、その菌株のゲノム DNA を鋳型とする PCR を行い、DNA 断片に対応するプライマーで増幅されるコロニーを陽性コロニーとした。陽性コロニーから PT7 プラスミド DNA を回収した後、プラスミドを鋳型とし、BIG Dye (PERKIN-ELMER) を用いたシーケンス反応 (プライマーは T7 プロモータープライマー及び U-19 リバースプライマー) を行うことにより、得られた PCR 産物の塩基配列を決定した。この配列をデータベース上のバイロコッカス・ホリコシまたはメタノコッカス・ヤナシイのゲノム DNA の塩基配列と比較した結果、PPIase 遺伝子の配列と相違ないことを確認した。バイロコッカス・ホリコシ及びメタノコッカス・ヤナシイの PPIase 遺伝子の塩基配列をそれぞれ配列番号 1 及び配列番号 3 に、それから推定されるアミノ酸配列をそれぞれ配列番号 2 及び配列番号 4 に示す。

#### 【0027】〔実施例 3〕 PPIase の発現系構築

PPIase 遺伝子を含むそれぞれの pT7 blue プラスミド DNA について制限酵素処理を行い、PPIase 遺伝子断片の切り出しを行った。制限酵素は Nde I 及び Hind III の組み合わせをそれぞれ用いた。切断した遺伝子断片は 2% アガロースゲルにより、分離・抽出した後、あらかじめ制限酵素処理した pET21a プラスミド DNA (Novagen) にライゲーションした。得られたライゲーション反応液をコンピテントセル大腸菌 JM109 株に加えることによりトランスフォーメーションした後、PPIase 遺伝子を含む陽性コロニーから pET21a プラスミド DNA を回収し、このプラスミドをコンピテントセル大腸菌 BL21 (DE3) 株にトランスフォーメーションした。

#### 【0028】〔実施例 4〕 PPIase の精製

得られた組み換え大腸菌を用いて PHFK 及び MJFKL の発現を試みた。2L の三角フラスコに  $2 \times \text{YT}$  培地 (Yeast Extract  $16 \text{ g L}^{-1}$ , BACTO TRYPTON  $20 \text{ g L}^{-1}$ ,  $\text{NaCl}$   $5 \text{ g L}^{-1}$ , アンピシリン  $100 \mu\text{g ml}^{-1}$ , pH 7.5)  $700 \text{ ml}$  を入れ、PHFK 遺伝子又は MJFKL 遺伝子を含む組み換え大腸菌  $2 \sim 3$  白金耳を接種した。 $35^\circ\text{C}$  で 24 時間回転培養 ( $110 \text{ rpm}$ ) した後、遠心分離 ( $10000 \text{ rpm} \times 10 \text{ min}$ ) にて菌体を回収した。得られた菌体は  $1 \text{ mM}$  EDTA を含む  $25 \text{ mM}$  HEPES 緩衝液 (pH 6.8)  $20 \text{ ml}$  に懸濁し、 $-20^\circ\text{C}$  にて一晚凍結保存した。菌体を超音波破碎後、下記に示した a~d の陰イオン交換クロマトグラフィー及びゲル濾過の順でカラム精製を繰り返した。精製した菌体破碎液を SDS-PAGE で分離したところ、MJFKL を発現させた大腸菌の場合も (図 3 レーン 4)、PHFK を発現させた大腸菌の場合も (図 3 レーン 6) とともに単一のバンドとして検出された。なお、図 3 中のレーン 1 は分子量マーカー、レーン 2 は野生型大腸菌の菌体破碎液、レーン 3 は MJFKL を発現させた大

腸菌の未精製菌体破碎液、レーン 5 は PHFK を発現させた大腸菌未精製菌体破碎液を試料としてしている。

【0029】a. DEAE Toyopearl column ( $16 \text{ mm} \times 60 \text{ cm}$ ; TOSOH Co., Ltd.)

A 液:  $25 \text{ mM}$  HEPES-KOH 緩衝液 (pH 6.8)

B 液:  $0.5 \text{ M}$  NaCl を含む  $25 \text{ mM}$  HEPES-KOH 緩衝液 (pH 6.8)

(0-300 min: B 液 0-100% の直線グラジエント、300-420 min: B 液 100%)

10 流速:  $1 \text{ ml min}^{-1}$

b. HiLoad 26/60 Superdex 200pg column ( $26 \text{ mm} \times 60 \text{ cm}$ ; Amersham Pharmacia)

溶離液:  $100 \text{ mM}$  リン酸ナトリウム緩衝液 (pH 7.0;  $0.15 \text{ M}$  NaCl 含有)

流速:  $3 \text{ ml min}^{-1}$

c. TSKgel SuperQ-5PW column ( $7.5 \text{ mm} \times 7.5 \text{ cm}$ ; TOSOH Co., Ltd.)

A 液:  $25 \text{ mM}$  HEPES-KOH 緩衝液 (pH 6.8)

20 B 液:  $0.5 \text{ M}$  NaCl を含む  $25 \text{ mM}$  HEPES-KOH 緩衝液 (pH 6.8)

(0-10 min: B 液 0%, 10-60 min: B 液 0-100% の直線グラジエント)

流速:  $1 \text{ ml min}^{-1}$

d. TSKgel G3000 SW<sub>XL</sub> column ( $7.5 \text{ mm} \times 30 \text{ cm}$ ; TOSOH Co., Ltd.)

溶離液:  $100 \text{ mM}$  リン酸ナトリウム緩衝液 (pH 7.0;  $0.15 \text{ M}$  NaCl 含有)

流速:  $0.5 \text{ ml min}^{-1}$

30 【0030】〔実施例 5〕 PHFK のタンパク質熱変性抑制効果 (1)

大腸菌 (BL21 DE3) の菌体破碎液上清液の熱変性に対する PHFK の影響を検討した。すなわち、PHFK を発現させた大腸菌を超音波破碎し、遠心分離により上清を得た。タンパク質濃度を  $2.5 \text{ mg/ml}$  とし、 $20 \sim 100^\circ\text{C}$  の温度範囲にて 30 分間熱処理した。遠心分離の後、上清について 16% アクリルアミドゲルを用いた SDS 電気泳動で、上清に残存するタンパク質を検出した (図 4)。また、上清の残存タンパク質濃度を定量した (図 5)。対照として、PHFK を発現させた大腸菌の代わりに野生型大腸菌を用い、上清中のタンパク質の検出及び定量を行った。

【0031】図 4 及び図 5 に示すように、PPIase が存在する場合には大腸菌の大部分のタンパク質が凝集せず、上清中に残存していた。一方、PPIase が存在しない場合には、処理温度の上昇に伴い検出タンパク質の量が少なくなり、高温処理時には上清中にはほとんどタンパク質が残存していなかった。

【0032】〔実施例 6〕 PHFK のタンパク質熱変性抑制効果 (2)

40 野生型大腸菌 (BL21 DE3) を超音波破碎し、遠心分離により上清を得た。タンパク質濃度を  $2.1 \text{ mg/ml}$  とし、さらに

PHFKを最終濃度1mg/mlとなるように添加し、20～100℃の温度範囲にて30分間熱処理した。遠心分離の後、上清について16%アクリルアミドゲルを用いたSDS電気泳動で、上清に残存するタンパク質を検出した(図6)。対照として、PHFKを添加せずに上清に残存するタンパク質の検出を行った。

【0033】図6に示すように、PPIaseを添加した場合には大腸菌の大部分のタンパク質は残存したが、PPIaseを添加しなかった場合には検出されるタンパク質の量は処理温度の上昇に伴い減少していた。

\*【0034】

【発明の効果】本発明により、熱や有機溶剤などによるタンパク質の変性を抑制し、不可逆的な凝集形成を防ぐことができる。また、この変性抑制効果により、組み換えタンパク質生産において問題となる、封入体形成を抑制することができる。その他、本発明は、変性タンパク質の再生、タンパク質試薬の安定化、さらには新規免疫抑制剤、生理活性物質の探索に有用である。

【0035】

\*10 【配列表】

# SEQUENCE LISTING

<110> MARINE BIOTECHNOLOGY INSTITUTE CO., LTD.

<120> METHOD FOR RETARDING DENATURATION OF PROTEIN

<130> P00-0472

<160> 8

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 774

<212> DNA

<213> Pyrococcus horikoshii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(771)

<400> 1

```

atg aag gtg gaa agg gga gat gtt atc agg ctc cac tat acc ggt agg   48
Met Lys Val Glu Arg Gly Asp Val Ile Arg Leu His Tyr Thr Gly Arg
      1              5              10              15

gtt aaa gag act gga caa ata ttt gac acc act tac gaa gaa gtg gcc   96
Val Lys Glu Thr Gly Gln Ile Phe Asp Thr Thr Tyr Glu Glu Val Ala
      20              25              30

aaa gaa gcg gga ata tat aat cca aag ggg atc tac ggt cca gtt cca   144
Lys Glu Ala Gly Ile Tyr Asn Pro Lys Gly Ile Tyr Gly Pro Val Pro
      35              40              45

ata atc gtc gga gct ggt cac gtc att tct gga tta gac aag agg ctg   192
Ile Ile Val Gly Ala Gly His Val Ile Ser Gly Leu Asp Lys Arg Leu
      50              55              60

gta gga ctt gaa gta gga aag aag tac acc tta gag gtt cca cca gaa   240
Val Gly Leu Glu Val Gly Lys Lys Tyr Thr Leu Glu Val Pro Pro Glu
      65              70              75              80

gaa gga ttt gga cta agg gat ccc aag ctg att aag gta ttc acg atg   288
Glu Gly Phe Gly Leu Arg Asp Pro Lys Leu Ile Lys Val Phe Thr Met
      85              90              95

gga caa ttt aga aag cag ggg ata gtt cca ttc cca gga tta gaa gta   336
Gly Gln Phe Arg Lys Gln Gly Ile Val Pro Phe Pro Gly Leu Glu Val
      100             105             110

gaa gtc acg act gac aat gga agg aag atg aaa ggt agg gta att aca   384
Glu Val Thr Thr Asp Asn Gly Arg Lys Met Lys Gly Arg Val Ile Thr
      115             120             125

```



13  
 gta agc gga ggt agg gtt aga gtt gat ttt aac cac ccc cta gcc gga 432  
 Val Ser Gly Gly Arg Val Arg Val Asp Phe Asn His Pro Leu Ala Gly  
 130 135 140  
 aaa acc ctt att tat gag gtg gag att gtt gag aag atc gaa gat cca 480  
 Lys Thr Leu Ile Tyr Glu Val Glu Ile Val Glu Lys Ile Glu Asp Pro  
 145 150 155 160  
 ata gag aag ata aaa gcc cta ata gag ctg agg tta cca atg atc gat 528  
 Ile Glu Lys Ile Lys Ala Leu Ile Glu Leu Arg Leu Pro Met Ile Asp  
 165 170 175  
 agg gat aag gta ata atc gaa gtt gga gaa aag gat gtt aag gta aac 576  
 Arg Asp Lys Val Ile Ile Glu Val Gly Glu Lys Asp Val Lys Val Asn  
 180 185 190  
 ttt ggt gag caa gat gtt gat ccc aag acg ctg atc ctg gga gaa att 624  
 Phe Gly Glu Gln Asp Val Asp Pro Lys Thr Leu Ile Leu Gly Glu Ile  
 195 200 205  
 ctt ttg gag agt gat att aaa ttc ctg gga tat gag aag gtt gaa ttt 672  
 Leu Leu Glu Ser Asp Ile Lys Phe Leu Gly Tyr Glu Lys Val Glu Phe  
 210 215 220  
 aaa cct agt gtt gaa gag ttg ttg agg ccc aag cag gaa gaa ccc gtt 720  
 Lys Pro Ser Val Glu Glu Leu Leu Arg Pro Lys Gln Glu Glu Pro Val  
 225 230 235 240  
 gaa gag gag aaa aag gag gag caa gaa gag agt gaa gag gcg caa tcc 768  
 Glu Glu Glu Lys Lys Glu Glu Gln Glu Glu Ser Glu Glu Ala Gln Ser  
 245 250 255  
 tct taa 774  
 Ser  
 <210> 2  
 <211> 257  
 <212> PRT  
 <213> Pyrococcus horikoshii  
 <400> 2  
 Met Lys Val Glu Arg Gly Asp Val Ile Arg Leu His Tyr Thr Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Val Lys Glu Thr Gly Gln Ile Phe Asp Thr Thr Tyr Glu Glu Val Ala  
 20 25 30  
 Lys Glu Ala Gly Ile Tyr Asn Pro Lys Gly Ile Tyr Gly Pro Val Pro  
 35 40 45  
 Ile Ile Val Gly Ala Gly His Val Ile Ser Gly Leu Asp Lys Arg Leu  
 50 55 60  
 Val Gly Leu Glu Val Gly Lys Lys Tyr Thr Leu Glu Val Pro Pro Glu  
 65 70 75 80  
 Glu Gly Phe Gly Leu Arg Asp Pro Lys Leu Ile Lys Val Phe Thr Met  
 85 90 95  
 Gly Gln Phe Arg Lys Gln Gly Ile Val Pro Phe Pro Gly Leu Glu Val  
 100 105 110  
 Glu Val Thr Thr Asp Asn Gly Arg Lys Met Lys Gly Arg Val Ile Thr  
 115 120 125  
 Val Ser Gly Gly Arg Val Arg Val Asp Phe Asn His Pro Leu Ala Gly  
 130 135 140  
 Lys Thr Leu Ile Tyr Glu Val Glu Ile Val Glu Lys Ile Glu Asp Pro

(9)

特開2002-171984

15 160  
 145 150 155 160  
 Ile Glu Lys Ile Lys Ala Leu Ile Glu Leu Arg Leu Pro Met Ile Asp  
 165 170 175  
 Arg Asp Lys Val Ile Ile Glu Val Gly Glu Lys Asp Val Lys Val Asn  
 180 185 190  
 Phe Gly Glu Gln Asp Val Asp Pro Lys Thr Leu Ile Leu Gly Glu Ile  
 195 200 205  
 Leu Leu Glu Ser Asp Ile Lys Phe Leu Gly Tyr Glu Lys Val Glu Phe  
 210 215 220  
 Lys Pro Ser Val Glu Glu Leu Leu Arg Pro Lys Gln Glu Glu Pro Val  
 225 230 235 240  
 Glu Glu Glu Lys Lys Glu Glu Gln Glu Glu Ser Glu Glu Ala Gln Ser  
 245 250 255  
 Ser  
 <210> 3  
 <211> 696  
 <212> DNA  
 <213> Methanococcus jannaschi  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(693)  
 <400> 3  
 atg gta gaa aag ggt aaa atg gta aag att agc tat gac gga tac gtt 48  
 Met Val Glu Lys Gly Lys Met Val Lys Ile Ser Tyr Asp Gly Tyr Val  
 1 5 10 15  
 gat gga aaa cta ttt gat aca act aac gaa gaa ttg gct aaa aaa gag 96  
 Asp Gly Lys Leu Phe Asp Thr Thr Asn Glu Glu Leu Ala Lys Lys Glu  
 20 25 30  
 ggg att tac aac cct gca atg att tat ggt cct gtt gct atc ttt gct 144  
 Gly Ile Tyr Asn Pro Ala Met Ile Tyr Gly Pro Val Ala Ile Phe Ala  
 35 40 45  
 gga gaa gga caa gta tta cct gga tta gac gaa gcc ata tta gaa atg 192  
 Gly Glu Gly Gln Val Leu Pro Gly Leu Asp Glu Ala Ile Leu Glu Met  
 50 55 60  
 gat gtt ggt gag gaa aga gaa gtt gtt tta cct cca gag aaa gct ttt 240  
 Asp Val Gly Glu Glu Arg Glu Val Val Leu Pro Pro Glu Lys Ala Phe  
 65 70 75 80  
 ggt aag aga gac cca tca aag ata aaa tta atc cca tta tca gaa ttt 288  
 Gly Lys Arg Asp Pro Ser Lys Ile Lys Leu Ile Pro Leu Ser Glu Phe  
 85 90 95  
 aca aaa aga gga att aag cca ata aaa gga tta acc ata act att gat 336  
 Thr Lys Arg Gly Ile Lys Pro Ile Lys Gly Leu Thr Ile Thr Ile Asp  
 100 105 110  
 gga att cct gga aaa att gtt agc ata aac agt gga aga gtt tta gtc 384  
 Gly Ile Pro Gly Lys Ile Val Ser Ile Asn Ser Gly Arg Val Leu Val  
 115 120 125  
 gat ttt aac cat gaa tta gct gga aaa gag gta aaa tat agg ata aaa 432  
 Asp Phe Asn His Glu Leu Ala Gly Lys Glu Val Lys Tyr Arg Ile Lys  
 130 135 140

17  
 att gaa gaa gtt gtt gat gat aaa aag aat att gta aaa gaa att gta 480  
 Ile Glu Glu Val Val Asp Asp Lys Lys Asn Ile Val Lys Glu Ile Val  
 145 150 155 160  
 aaa atg tat gtt cca aga ttg agt gat gta aaa gta act atc aga aat 528  
 Lys Met Tyr Val Pro Arg Leu Ser Asp Val Lys Val Thr Ile Arg Asn  
 165 170 175  
 gga aca gtt aag ata gaa ttg cct gaa ttt gct cca ttt att cca aac 576  
 Gly Thr Val Lys Ile Glu Leu Pro Glu Phe Ala Pro Phe Ile Pro Asn  
 180 185 190  
 att caa aca gct aag atg gct att gct aac gaa ata ttg aag aga tta 624  
 Ile Gln Thr Ala Lys Met Ala Ile Ala Asn Glu Ile Leu Lys Arg Leu  
 195 200 205  
 gaa gat gct gaa aaa gtt agc ttt gtt gag aca ttt gaa aga aaa aag 672  
 Glu Asp Ala Glu Lys Val Ser Phe Val Glu Thr Phe Glu Arg Lys Lys  
 210 215 220  
 gaa act aaa gaa gag aac aaa taa 696  
 Glu Thr Lys Glu Glu Asn Lys  
 225 230  
 <210> 4  
 <211> 231  
 <212> PRT  
 <213> Methanococcus jannaschi  
 <400> 4  
 Met Val Glu Lys Gly Lys Met Val Lys Ile Ser Tyr Asp Gly Tyr Val  
 1 5 10 15  
 Asp Gly Lys Leu Phe Asp Thr Thr Asn Glu Glu Leu Ala Lys Lys Glu  
 20 25 30  
 Gly Ile Tyr Asn Pro Ala Met Ile Tyr Gly Pro Val Ala Ile Phe Ala  
 35 40 45  
 Gly Glu Gly Gln Val Leu Pro Gly Leu Asp Glu Ala Ile Leu Glu Met  
 50 55 60  
 Asp Val Gly Glu Glu Arg Glu Val Val Leu Pro Pro Glu Lys Ala Phe  
 65 70 75 80  
 Gly Lys Arg Asp Pro Ser Lys Ile Lys Leu Ile Pro Leu Ser Glu Phe  
 85 90 95  
 Thr Lys Arg Gly Ile Lys Pro Ile Lys Gly Leu Thr Ile Thr Ile Asp  
 100 105 110  
 Gly Ile Pro Gly Lys Ile Val Ser Ile Asn Ser Gly Arg Val Leu Val  
 115 120 125  
 Asp Phe Asn His Glu Leu Ala Gly Lys Glu Val Lys Tyr Arg Ile Lys  
 130 135 140  
 Ile Glu Glu Val Val Asp Asp Lys Lys Asn Ile Val Lys Glu Ile Val  
 145 150 155 160  
 Lys Met Tyr Val Pro Arg Leu Ser Asp Val Lys Val Thr Ile Arg Asn  
 165 170 175  
 Gly Thr Val Lys Ile Glu Leu Pro Glu Phe Ala Pro Phe Ile Pro Asn  
 180 185 190  
 Ile Gln Thr Ala Lys Met Ala Ile Ala Asn Glu Ile Leu Lys Arg Leu  
 195 200 205

19  
 Glu Asp Ala Glu Lys Val Ser Phe Val Glu Thr Phe Glu Arg Lys Lys  
 210 215 220  
 Glu Thr Lys Glu Glu Asn Lys  
 225 230  
 <210> 5  
 <211> 30  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <400> 5  
 cccatatgaa ggtggagagg ggaagtgtt 30  
 <210> 6  
 <211> 29  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <400> 6  
 ggaagctttt aagaggattg cgctcttc 29  
 <210> 7  
 <211> 28  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <400> 7  
 ccatatggta gaaaagggtta aaatqgta 28  
 <210> 8  
 <211> 29  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <400> 8  
 ggggatacctt atttgtctc ttctttagt 29

【図面の簡単な説明】

【図 1】 PHFK遺伝子の塩基配列とそれから推定されるアミノ酸配列を示す図

【図 2】 MJFKL遺伝子の塩基配列とそれから推定されるアミノ酸配列を示す図

【図 3】 MJFKL又はPHFKを発現する大腸菌の菌体破砕液の電気泳動図

30 【図 4】 PHFK存在及び非存在下における菌体破砕液上清の電気泳動図

【図 5】 PHFK存在及び非存在下における菌体破砕液上清中のタンパク質量を示す図

【図 6】 PHFK添加及び無添加時における菌体破砕液上清の電気泳動図

【図1】

PHFK-F1

1 ATGAAGGTGGAGAGGGGAGATGTTATCAGGCTCCACTATACCGGTAGGGTTAAAGAGACT 60  
M K V E R G D V I R L H Y T G R V K E T

61 GGACAAATATTTGACACCACTTACGAAGAAGTGGCCAAAGAAGCGGAATATATAATCCA 120  
G Q I F D T T Y E E V A K E A G I Y N P

121 AAGGGGATCTACGGTCCAGTTCCAATAATCGTCGGAGCTGGTCACGTCATTTCTGGATTA 180  
K G I Y G P V P I I V G A G H V I S G L

181 GACAAGAGCGCTGGTAGGACTTGAAGTAGGAAAGAAGTACACCTTAGAGGTTCCACCAGAG 240  
D K R L V G L E V G K K Y T L E V P P E

241 GAAGGATTTGGACTAAGGGATCCCAAGCTGATTAAGGTATTCACGATGGGACAATTTAGA 300  
E G F G L R D P K L I K V F T M G Q F R

301 AAGCAGGGGATAGTTCATTCCAGGATTAGAAGTAGAAGTCACGACTGACAATGGAAGG 360  
K Q G I V P F P G L E V E V T T D N G R

361 AAGATGAAAGCTAGGGTAATTACAGTAAGCGGAGGTAGGGTTAGAGTTGATTTTAACCAC 420  
K M K G R V I T V S G G R V R V D F N H

421 CCCCTAGCCGGAAAAACCCTTATTTATGAGGTGGAGATTGTTGAGAAGATCGAAGATCCA 480  
P L A G K T L I Y E V E I V E K I E D P

481 ATAGAGAAGATAAAAGCCCTAATAGAGCTGAGGTTACCAATGATCGATAGGGATAAGGTA 540  
I E K I K A L I E L R L P M I D R D K Y

541 ATAATCGAAGTTGGAGAAAAGGATGTTAAGGTAAACTTTGGTGAGCAAGATGTTGATCCC 600  
I I E V G E K D V K V N F G E Q D V D P

601 AAGACGCTGATCCTGGGAGAAAATTCTTTGGAGAGTGATATTAATTCCTGGGATATGAG 660  
K T L I L G E I L L E S D I K F L G Y E

661 AAGGTTGAATTTAAACCTAGTGTGAAGAGTTGTTGAGGCCCAAGCAGGAAGAACCCGTT 720  
K V E F K P S V E E L L R P K Q E E P V

721 GAAGAGGAGAAAAAGGAGGAGCAAAGAGAGAGTGAAGAGGCGCAATCCTCTTAA 774  
E E E K K E E Q E E S E E A Q S S \*

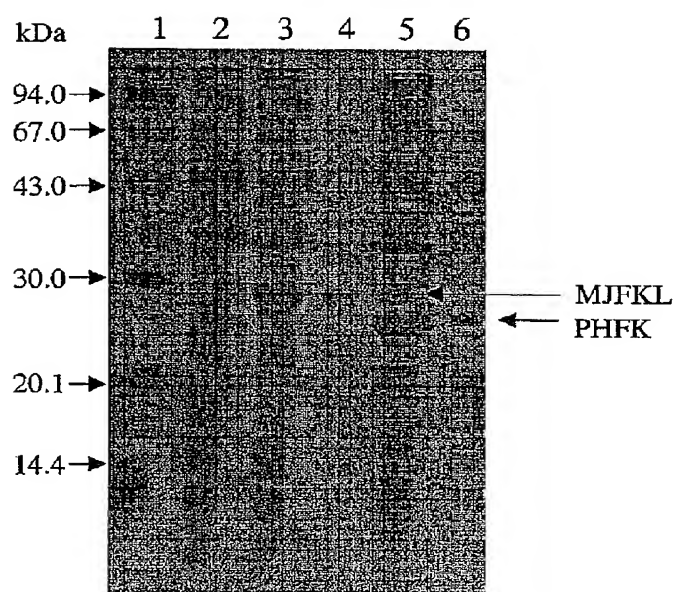
PHFK-R1

## 【図2】

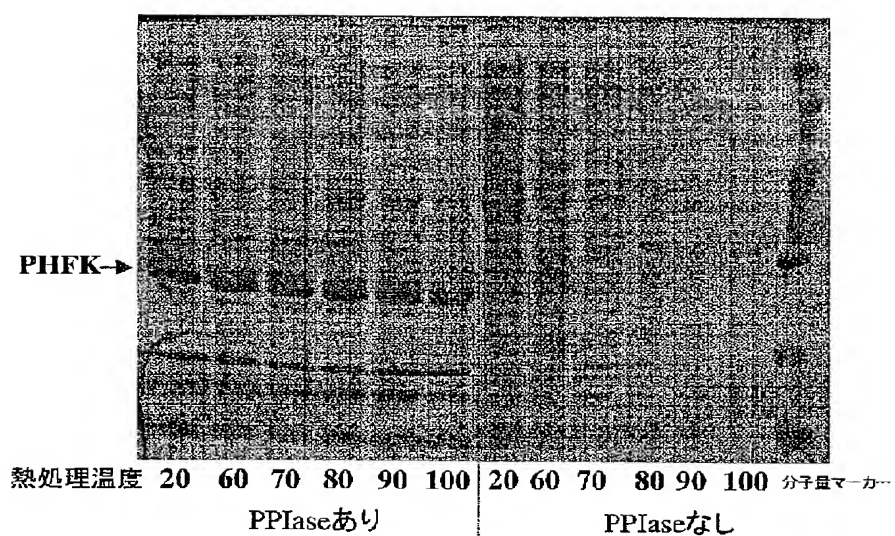
MJFKL-F1  
 1 ctggtagaaaagggttaannctgtagagattagctatgacggatagctgaaggaaaacta 60  
 M V E K G K M V K I S Y D G Y V D G K L  
 61 ttgtatcaactaacgaagaattggctaaaaagagggatttacaacccctgcaatgatt 120  
 F D T T N E E L A K K E G I Y N P A M I  
 121 tatggctcgtgtgctatctttgtctggagaaggacaagtattaccctggatagacgaagcc 180  
 Y G P V A I F A G E G Q V L P G L D E A  
 181 atattagaatggatgttggtgaggaaagagaagttgtttaccctccagagaagccttt 240  
 I L E M D V G E E R E V V L P P E K A F  
 241 ggtaagagagacccatcaagataaaaitaatccattatcagaatttacaanaagagga 300  
 G K R D P S K I K L I P L S E F T K R G  
 301 attaaagccaataaaaggattaccataactattgatggaattcctggaaaaattgttgc 360  
 I K P I K G L T I T I D G I P G K I V S  
 361 ataaacagtggaagagttttgtcgattttaaccatgaattagctggaaaagaggtaaaa 420  
 I N S G R V L V D F N H E L A G K E V K  
 421 tataggataaaaattgaagaagttgttgatgataaaagaattattgtaaaagaattgta 480  
 Y R I K I E E V V D D K K N I V K E I V  
 481 aaatgtatgttccaagattgagtgatgtaaaagtaaciatcagaantggaacagtttaag 540  
 K M Y V P R L S D V K V T I R N G T V K  
 541 atagaattgontgaatttgcctcatttctccaaacttcaaacagetaagatggctatt 600  
 I E L P E F A P F I P N I Q T A K M A I  
 601 gctaacgaatattgaagagattagaagatgcigaaaagittagctttgttgagacattt 660  
 A N E I L K R L E D A E K V S F V E T F  
 661 gaagaaaaaagggaatctaaagaagagaaacaaataa 696  
 E R K K E T K E E N K \*

MJFKL-R1

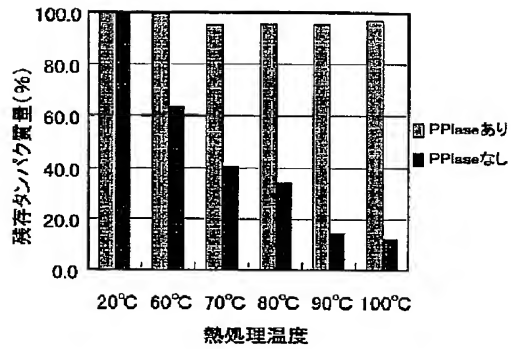
【図3】



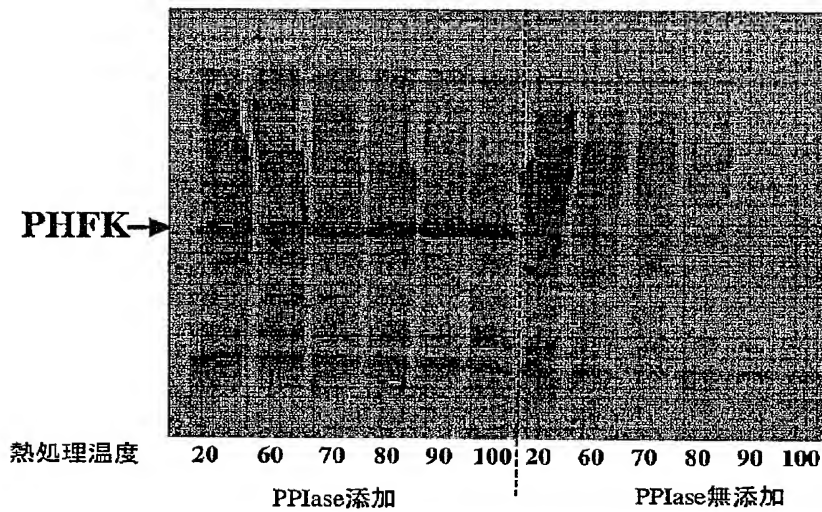
【図4】



【図5】



【図6】



フロントページの続き

F ターム(参考) 4B024 AA20 BA07 CA03 DA06 EA04  
 GA11 HA01 HA12  
 4B050 CC03 DD02 FF11E FF12E